

Образование подобных инсерций и делеций может происходить в самом сателлитном повторе в результате действия механизма восстановления теломер. Потенциальным источником таких перестроек может служить рекомбинация, происходящая в теломерных регионах. Размеры ПЦР-продуктов, образующихся при амплификации практически во всех случаях были меньше исходной единицы повтора. Эти данные показывают, что изменения структуры сателлитной ДНК затрагивают часть единицы теломерного повтора и приводят к образованию новых последовательностей в тандемно организованном сателлитном повторе.

Получены результаты, свидетельствующие о присутствии микросателлитных мотивов в терминальном гетерохроматине. Вставки в теломерный повтор микросателлитных мотивов происходят в терминальном гетерохроматине вследствие рекомбинации участков сателлитного повтора, прилежащего к внутренним областям хромосомы.

Таким образом, АФК стимулируют реорганизацию генома *A. fistulosum*, способствуя перестройкам в сателлитной ДНК, индуцируя инсерции и делеции гетерохроматина.

Исследование выполнено в рамках проекта «Бореальные злаки: особенности биологии и экологии» федеральной целевой программы «Научные и научно-педагогические кадры инновационной России» на 2009-2013 годы.

## ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ПОЛИМОРФИЗМ НЕКОТОРЫХ ПУСТЫННЫХ ВИДОВ МАРЕВЫХ (*Chenopodiaceae*)

Е.В.Шуйская<sup>1</sup>, Л.Г. Гисматуллина<sup>2</sup>, Н.В. Жуковская<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Институт физиологии растений им. К.А. Тимирязева РАН, г. Москва, Россия.

<sup>2</sup>Комплексный научно-исследовательский Институт Региональных Проблем,  
Самаркандское Отделение АН РУз., г. Самарканд, Узбекистан.

Усиление процесса опустынивания и глобального изменения климата (IPPC, 2001) приобретает особое значение для пустынных экосистем, существующих в экстремальных условиях дефицита воды, высокой радиации и засоления почвы. Это ведет к снижению биоразнообразия и изменению ареалов распространения видов растений, прежде всего однолетних, которые представлены, в основном, небольшими фрагментированными популяциями, приуроченными к определенным местообитаниям, и при изменении условий существования оказываются наиболее уязвимыми.

Целью данной работы было изучение генетического полиморфизма у 6 однолетних видов маревых: *Climacoptera turcomanica*, *C. lanata*, *C. longistilosa*, *Salsola incanescens*, *S. sclerantha* и *S. paulsenii*. Для этого был проведен крахмально-гелевый электрофорез 8 ферментных систем: 6-PGD (E.C. 1.1.1.44), G-6-PD (E.C. 1.1.1.49), GDH (E.C. 1.4.1.2), GOT (E.C.2.6.1.1), DIA (E.C. 1.6.9.9), SOD (E.C. 1.15.1.1.), MDH (E.C. 1.1.1.37), Me (E.C.

1.1.1.40) (по Гончаренко и др., 1989) в 10 популяциях *S. paulsenii*, 9 – *C. turcomanica*, 6 – *S. incanescens*, *S. sclerantha* (для каждого вида) и 2-3 популяциях *C. lanata* и *C. longistilosa*. Семенной материал (50-100 семян с 10 растений каждой популяции) был собран в Центральных и Юго-Западных Кызылкумах (Узбекистан).

Изученные 8 ферментных систем у *C. turcomanica*, *C. lanata*, *C. longistilosa*, *S. sclerantha* кодируются 16 локусами, у *S. paulsenii* 15 и у *S. incanescens* 13 локусами. Процент полиморфных локусов ( $P_{99}$ ) в популяциях *C. turcomanica* в среднем составил 25 %, у *C. lanata* и *C. longistilosa* средние значения  $P_{99}$  оказались выше: 27 % и 34 % соответственно. У *S. sclerantha*  $P_{99}$  = 21 %, у *S. incanescens*  $P_{99}$  = 19 % и у *S. paulsenii*  $P_{99}$  = 6 %. Из 36 изученных популяций только 3 (1 популяция *C. turcomanica* и 2 популяции *S. paulsenii*) оказались мономорфными. Наименьшее количество аллелей на локус ( $A$ ) наблюдалось у *S. paulsenii* ( $A=1,07$ ), наибольшее у *C. longistilosa* ( $A=1,34$ ), у остальных видов  $A=1,21-1,25$ . Уровень средней наблюдаемой ( $H_o$ ) и ожидаемой ( $H_e$ ) гетерозиготности оказался низким у всех видов:  $H_o=0-0,4$  %,  $H_e=6,7-10,6$  % у видов *Climacoptera* и  $H_o=0,7-2,6$  %,  $H_e=3,7-8,1$  % у видов *Salsola*. В популяциях *C. lanata* и *C. longistilosa*, несмотря на значительную долю полиморфных локусов, не было обнаружено гетерозитных генотипов. Коэффициент инбридинга в популяциях *C. turcomanica*, *S. incanescens* и *S. sclerantha*  $F_{is}=0,29-0,95$  (где  $F_{is}=1-H_o/H_e$ ) указывает на значительный дефицит гетерозигот и, следовательно, отклонение генетической структуры популяций от равновесия в сторону инбридинга (по Харди-Вайнбергу) (Алтухов, 2003). В целом, основные параметры генетического разнообразия изученных видов оказались ниже среднего уровня для перекрестно-ветроопыляемых видов ( $P_{95}=49-66$  %,  $A=1,79-2,40$ ,  $H_o=26-29$  %,  $H_e=15-16$  %) (Hamrick et al., 1992). Низкий уровень генетического полиморфизма и дефицит гетерозигот, также не характерный для перекрестно-ветроопыляемых видов, свидетельствует о давлении сильного стресса и, следовательно, действии отбора в пользу гомозигот, которые лучше адаптированы к стрессовым условиям пустынь.

#### Библиографический список

1. Алтухов Ю.П. Генетические процессы в популяциях. Москва: ИКЦ «Академкнига». 2003. 431с.
2. Гончаренко Г.Г., Падутлов В.Е., Потенко В.В. Руководство по исследованию хвойных видов методом электрофоретического анализа изоферментов. Гомель. 1989. 150 с.
3. Hamrick J.L., Godt M.J., Sherman-Broyles S.L. Factors influencing levels of genetic diversity in woody plant species // New Forest. 1992. V. 6 P. 95-124
4. IPCC Climate Change 2001: Scientific basis. Contribution of Working Group I to the Third Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change. Cambridge University Press. Cambridge. UK.